



PubMed

Nucleotide

Protein

Genome

Structure

PMC

Taxonomy

OMIM

G

## Sequence Revision History

**Find (Accessions, GI numbers or Fasta style Seqlds) AF326353**

[About Entrez](#)

### Revision history for AF326353

[Entrez](#)

GI	Version	Update Date	Status
16797891	1	Nov 8 2001 12:04 AM	Live

Search for Genes  
LocusLink provides curated information for human, fruit fly, mouse, rat, and zebrafish

[Help](#) | [FAQ](#)

Batch Entrez: Upload a file of GI or accession numbers to retrieve protein or nucleotide sequences

Check sequence revision history

How to create WWW links to Entrez

[LinkOut](#)[Cubby](#)

### Related resources

[BLAST](#)[Reference sequence project](#)[LocusLink](#)[Clusters of orthologous groups](#)[Protein reviews on the web](#)

[Disclaimer](#) | [Write to the Help Desk](#)  
[NCBI](#) | [NLM](#) | [NIH](#)

## EXHIBIT A

# Align two sequences

Wed Mar 23 18:20:39 "GMT 2005

```
/usr/tmp/seq1.104490.sca : 261 aa
>109 AA, 261 bases, F75295DD checksum.          261 aa vs.
>SEQ ID NO:2, 261 bases, 4B98E4F0 checksum.      261 aa
scoring matrix: , gap penalties: -12/-2
99.6% identity;           Global alignment score: 1734
```

	10	20	30	40	50	60
/usr/t	MGSLPSRRKSLPSPSLSSVQGQGPVTMEAERSKATAVALGSFPAGGPAELSLRLGEPLT	:::::::::::::::::::	:::::::::::::::::::	:::::::::::::::::::	:::::::::::::::::::	:::::::::::::::::::
SEQ	MGSLPSRRKSLPSPSLSSVQGQGPVTMEAERSKATAVALGSFPAGGPAELSLRLGEPLT	10	20	30	40	50
						60

	70	80	90	100	110	120
/usr/t	IVSEDGDWWTVLSEVSGREYNIPSVHVGKVSHGWLYEGLSREKAEELLLLPGNPGGAFLI	:::::::::::::::::::	:::::::::::::::::::	:::::::::::::::::::	:::::::::::::::::::	:::::::::::::::::::
SEQ	IVSEDGDWWTVLSEVSGREYNIPSVHAKVSHGWLYEGLSREKAEELLLLPGNPGGAFLI	70	80	90	100	110
						120

	130	140	150	160	170	180
/usr/t	RESQTRRGSYSLSVRLSRPASWDRIRHYRIHCNDNGWLWYISPRLTFFPSLQALVDHYSEL	:::::::::::::::::::	:::::::::::::::::::	:::::::::::::::::::	:::::::::::::::::::	:::::::::::::::::::
SEQ	RESQTRRGSYSLSVRLSRPASWDRIRHYRIHCNDNGWLWYISPRLTFFPSLQALVDHYSEL	130	140	150	160	170
						180

	190	200	210	220	230	240
/usr/t	DDICCLLKEPCVLQRAGPLPGKDIPLPVTVQRTPLNWKELDSSLLFSEAATGEESLLSEG	:::::::::::::::::::	:::::::::::::::::::	:::::::::::::::::::	:::::::::::::::::::	:::::::::::::::::::
SEQ	DDICCLLKEPCVLQRAGPLPGKDIPLPVTVQRTPLNWKELDSSLLFSEAATGEESLLSEG	190	200	210	220	230
						240

	250	260	
/usr/t	LRESLSFYISLNDEAVSLDDA	:::::::	
SEQ	LRESLSFYISLNDEAVSLDDA	250	260

Elapsed time: 0:00:00

**EXHIBIT B**

# Align two sequences

Thu Mar 24 02:37:47 "GMT 2005

```
/usr/tmp/seq1.104989.sca : 1183 nt
>87919652 nucleic acid sequence of the '191 appli 1183 nt vs.
>SEQ ID NO:1, 786 bases, EF1BE03B checksum. 786 nt
scoring matrix: , gap penalties: -12/-2
43.4% identity; Global alignment score: -278
```

	10	20	30	40	50
/usr/t	CTAGGCA-TCATCCAA--AGA-GACAGCCTCGTCATTCA	GAGCTGATGTAGAAGCT-GAGG			
SEQ	ATGGGAAGTCTGCCAGCAGAAGAAAATCTCTGC	--CAAGCC-----CAAGCTTGAGT			
	10	20	30	40	50

	60	70	80	90	100	110
/usr/t	GACTCC--CGGAGACCCTCACTGAGAAGAGACTC	CCTCCCCTGTGGCAGCTTCAGAAAACA				
SEQ	TCCTCTGTCCAAGGCC-----AGGGACCTGTGACCA	-TGGAACG---AGAGAGAA				
	60	70	80	90	100	110

	120	130	140	150	160	170
/usr/t	GGAGGGAGCTGTCCAGCTTTCCAGTTGAGTGGT	GCTCCTCTGCACAGTCACAGGTAGGG				
SEQ	GCAAGG-----CCA-----CAGCCGTG	---GCCCTGGGCAGTTTC-CCGGCAGGT				
	100	110	120	130	140	150

	180	190	200	210	220	230
/usr/t	GTATATCCTTGCCAGGGAGC	GGGGCCAGCCCTCTGCAG-GACACAGGGCTCC-TTGAGTAG				
SEQ	G-----GCC-----CGGCCGAGCTGTC	-GCTGAGACTCGGGGAGCCATTGA---				
	140	150	160	170	180	190

	240	250	260	270	280	290
/usr/t	GCAGCAGATGTCATCCGCCAGCTCAGAGTA	ATGGTCCACCAGGGCCTGGAGTGAGG-GGA				
SEQ	-----CCATCGTCTTGAGGA	-----TGGAGACTGGTGGAA				
	180	190	200	210	220	230

	300	310	320	330	340	350
/usr/t	AGGTGAGGCGCGGTGAGATGTACAGCCAGCCATTGT	CAAGGCAGTGAGTCCTGTAGTGTC				
SEQ	CGGTG-----CTGTCTGAAGTC	-----TCA-GGCAGAG-----AGTATA				
	210	220	230	240	250	260

	360	370	380	390	400	410
/usr/t	TGATCCGGTCCCAGGATGCAGGGCGGCTGAGGCGGACTG	AACAGAGAGTAAGAGCCTCTCC				
SEQ	ACATC---CCCAGCGTCCACGTGGCC	-----AAAGTCTCCCA				
	250	260	270	280	290	300

	420	430	440	450	460	470
/usr/t	TGGTCTGGCTCTCCGGATGAGGAAGGCCCCCTCCAGGGTT	CCCAGGTAACAACAGCAGTT				

## EXHIBIT C

SEQ    TGGG-TGGCTGT----ATGAGG---GCCTGAGCAGGG----AGAAAGCAGAGGAACGTG  
       280              290              300              310              320

      480              490              500              510              520  
 /usr/t CCTCTGCTTCT----CCCTGCTCAGGCCCTCATACAGCCACCCATGGGAGACTTGCC  
       :    :    :    :    :    :    :    :    :    :    :    :    :  
 SEQ    CTGTTGTTACCTGGAACCCCTGGAGGGCCTTCCT----CATCC--GGGAGAGCCAGAC  
       330              340              350              360              370

      530              540              550              560              570              580  
 /usr/t CACGTGGACGCTGGGATGTTATACTCTCTGCCTGAGACTTCAGACAGCACCGTCCACCA  
       :    :    :    :    :    :    :    :    :    :    :    :  
 SEQ    CA---GGA---GAGGCTCTTA--CTCTCTG----TCAGTCCGCCCTAGCCGCC-  
       380              390              400              410

      590              600              610              620              630              640  
 /usr/t GTCTCCATCCTCAGAGACGATGGTCAATGGCTCCCCGAGTCTCAGCGACAGCTGGCCGG  
       :    :    :    :    :    :    :    :    :    :    :    :  
 SEQ    --CTGCATCCTGGGA-----CCGGA---TCAG--ACA---CTACAGG  
       420              430              440

      650              660              670              680              690              700  
 /usr/t GCCACCTGCCGGAAACTGCCAGGGCCACGGCTGTGGCCTTGCTCTCTGCTTCCAT  
       :    :    :    :    :    :    :    :    :    :    :  
 SEQ    ATCCACTGCCTTGACAATGGC-----TGGCTGTACATCTCACCGCGCC---  
       450              460              470              480              490

      710              720              730              740              750              760  
 /usr/t GGTCACAGGTCCCTGGCCTTGGACAGAGGAACCTCAAGCTGGGCTTGGCAGAGATTTCT  
       :    :    :    :    :    :    :    :    :    :    :  
 SEQ    --TCAC-----CTTCCC-----CTCACTCCAGGCCCTGGTGGACCATTACT  
       500              510              520

      770              780              790              800              810              820  
 /usr/t TCTGCTGGCAGACTTCCCATTGTTCCCTCAGCAGAGCACTCA-GAACACATCATCGAGG  
       :    :    :    :    :    :    :    :    :    :  
 SEQ    ----CTGAGCTGGCGGATGA---CATCTGCTGCCTACTCAAGGAGGCC---  
       530              540              550              560              570

      830              840              850              860              870              880  
 /usr/t GAAATTGGTTGTCAT-CAAAGGCTGGGAAGACAGCTCTGCTGAGACGCATGCTCTGGC  
       :    :    :    :    :    :    :    :    :  
 SEQ    -----TGTGTCCTGCAGAGG-----GCTG---GCCCGCTCC--C  
       580              590

      890              900              910              920              930              940  
 /usr/t TGGACAGGTTAGGGCTTGGGGCCCTCTGGAAAGTCTGCCAGTGTGCTTGGTAGGA  
       :    :    :    :    :    :    :    :    :  
 SEQ    TGGCAAGGATAT-----ACCC-----CTACCTGTGAC--TGTGCAGAGGA  
       600              610              620              630

      950              960              970              980              990              1000  
 /usr/t CACCCAGAACTCTCTCAGCCTGGGAGGATCTTCAGGGAGAGGCTAGGTGTTGGTTGGGT  
       :    :    :    :    :    :    :    :    :  
 SEQ    CACCA-----CTCAAC-TGGAAAGAGCT---GGACAG-CTCCCTCCTGTTTCTGA  
       640              650              660              670              680

      1010              1020              1030              1040              1050              1060  
 /usr/t AGCTCAGCATCTGTCAGTCAGCAGTTGTACACCAGGGATGGATCAGCTGCCCATG

Elapsed time: 0:00:00